Exhibit 2: Alignment of SEQ ID NO:2 with C-type Lectin Domains

K	F	F	V	Т	N	Н	E	R	М	P	F	S	K	v	K	A	L	C	S	E	L	R	G	T	V	A	I	P	R	N
Care Oliver															27.5															
W	S	Y	N	Т	S	Т	Ε	Α	M	Т	Y	D	E	A	S	Α	Y	C	Q	Q	R	Y	Т	Н	L	V	A	I	Q	N
S	C	Y	W	F	S	Q	S	G	K	P	W	P	E	A	D	K	Y	C	Q	L	E	N	S	N	L	V	V	v	N	S
V	I	Y	F	Н	D	T	SI	RR	L	N	F	E	E	A	K	Ε	A	C	R	R	D	G	G	Q	L	V	S	I	E	S
44																75														
																					•									
A	E	E	N	K	A	I	Q	E	V	A	K			Т	S	A	F	L	G	I	T	D	E	V	Т	Е	G	Q	F	-
β2																														
K	E	E	I	E	Y	L	N	S	I	L	S	YS	SP	S	Y	Y	W	I	G	I	R	K		v	N		N	v	W	
L	A	E	Q	N	F	L	Q	Т	Н	M	G	S		٧	٧	Т	W	I	G	L	Т	D		Q	N		G	P	W	
E	D	E	Q	K	L	I	E	K	F	I	Eì	\LI	ρ	SI	GI	F	W	I	G	L	RRI	REI	ΞK	QS	SNS	STA	\C(ומנ	ĹΥ	* *****
76															17															
M	¥	V		Т	G	G	R	L	Т			Y	s	N	W	K	K	D.	E	P	N	D	Н	G	S	G	E	D	C	
β3													é	Z	1		7	1	X.	8.7	444	V					**	. 1	4.20	3
V	W	V	G	Т	Q	K	P	L	T	E	E	Α	K	N	W	Α	P	G	E	P	N	N	R	Q	ĸ	D	E	D	C	
R	W	v		D	G	Т	D	Y	E	K	G	F	T	H	W	Α	P	K	Q	P	D	N	۷Y(ЭНС	GL(GG	Æ	D	c	
Α	W	Т		D	G	S		I	S		Q	F	R	N	W	Y	V	D	E	P	s	С		G	S		E	v	C	
11	8.																												14	12
V	T	I	٧				D	N	G	I	,	W	N	D	I	s	C	Q	A	S	Н	Т	Α	v	С	E	F	P		
V	E	I	Y	II	KR	EF	Φ	v	G	N	1	W	N	D	E	R	С	s	K	K										
A	Н	F	Т				s	D	G	F																				
																									_	_				
v	V	M	Y	ΗÇ	QPS	SAI	PAG)I	3 G I	YY	IF(WÇ	N	D	D	R	С	N	M	K	N	N	F	I	С	K	Y	S		
	W S V 444 A A F K L E 76 M β3 V R A 11	W S S C V I 44 A E A E D 76 A W A W 118 A W 118	W S Y S C Y V I Y 44 A E E L A E E D E 76 M Y V β3 V W V R W V A W T 118 V T I β4 V E I	W S Y N S C Y W V I Y F 44 A E E N K E E I L A E Q E D E Q 76 M Y V G β3 V W V G R W V G R W T 118	W S Y N T S C Y W F V I Y F H 4 4		W S Y N T S T S C Y W F S Q V I Y F H D T 44	W S Y N T S T E S C Y W F S Q S V I Y F H D T S 44					W S Y N T S T E A M T Y D S C Y W F S Q S G K P W P V I Y F H D T SRR L N F E 44	W S Y N T S T E A M T Y D E S C Y W F S Q S G K P W P E 44		W S Y N T S T E A M T Y D E A D S Y W F S Q S G K P W P E A K 44	W S Y N T S T E A M T Y D E A D K S Y W F S Q S G K P W P E A D K V I Y F H D T SRR L N F E E A K E 44	W S Y N T S T E A M T Y D E A D K Y Y D E A D K Y Y Y Y Y Y Y Y Y	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A V C S C Y N F S Q S G K P W P E A D K E A C A C A C A A C A A C A A C A A C A				S S S S S S S S S S	S S S S S S S S S S	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A Y C Q Q R Y T H S C Y W F S Q S G K P W P E A D K Y C Q L E N S N V I Y F H D T SRR L N F E E A K E A C R R D G G Q 44 A E E N K A I Q E V A K T S S Y Y W I G I R K V L A E Q N F L Q T H M G S V V T W I G L T D Q E D E Q K L I E K F I ENLLP SDGDF W I G L R REEK QS 76 M Y V T G G R L T Y S N W K K D E P N D H G β3 V W V G T Q K P L T E E A K N W A P G E P N N R Q R W V D G G S I S Q F R N W Y V D E P S C G 118 V T I V D N G L W N D I S C Q A S H T A V □	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A Y C Q Q R Y T H L	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A Y C Q Q R Y T H L V S C Y W F S Q S G K P W P E A D K Y C Q L E N S N L V 44 A E E N K A I Q E V A K T S S A F L G I T D E V T E B C Y W F S Q S G K P W P E A D K S G I T D E V T E B C Y W I G I R K V N M S S I L S S S S S S S S S S S S S S S S	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A Y C Q Q R Y T H L V A S C Y W F B D T SRR L N F E E A K E A C R R D G G Q L V S 44 A E E N K A I Q E V A K T S S S S S V Y W I G I R K V N N N L A E E I E Y L N S I E A F L G L R R V N N N L A E O R F L Q T H M G S V S S S S S S S S S S S S S S S S S	W S Y N T S T E A M T Y D E A S A Y C Q Q R Y T H L V A I S C Y W F S Q S G K P W P E A D K Y C Q Q L E N S N L V V V V I Y F H D T SRR L N F E E A K E A C R R D G G Q L V S I 44 A E E N K A I Q E V A K T S S S Y Y W I G I R K V N N N N V L A E I Q N F L Q T H M G S V V T W I G I R K V N N N N V L A E Q N F L Q T H M G S V V T W I G L R R C S S G E D β3 W V T G G R L T Y S S N W K K D E P N D H G S G E D A W T D G S I S Q F T H W A P G S E P N N R Q K D E D A W T D G G S I S Q F T H W A P K Q P D N W G G G G S E V V T I V T I V D G G S I S Q M W N D E R C S K K K L A L C Y T A	S

This Exhibit is based on Figure 1 of Exhibit 1: Bajorath, J., 1996, "A molecular model of the carbohydrate recognition domain of a rat macrophage lectin and analysis of its binding site", *Journal of Molecular Graphics* 14: 297-301.

MBP: mannose-binding protein; ML: macrophage lectin.

Residues in boldface correspond to boxed residues in Figure 1 of Exhibit 1 (Bajorath, 1996, *Journal of Molecular Graphics* 14: 297-301), and represent residues thought to be determinants of the C-type lectin fold.

Horizontal shaded bars indicate the structurally conserved regions in MBP and E-selectin.

Regions labeled $\alpha 1-\alpha 2$ and $\beta 1-\beta 6$ are major secondary structure elements in E-selectin.

Double asterisks indicate the functional calcium-binding site of MBP.

The residue numbering shown below each set of sequences is that of SEQ ID NO:2.